

Variação genética em caracteres quantitativos em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*Genetic variation in quantitative traits in *Pinus caribaea* var. *hondurensis*Thaise da Silva Souza<sup>1</sup>, Wanderley dos Santos<sup>2</sup>, Larissa Delazari Deniz<sup>3</sup>,  
Ana Paula de Oliveira Alves<sup>4</sup>, Jarbas Yukio Shimizu<sup>5</sup>,  
Valderes Aparecida de Sousa<sup>5</sup> e Ananda Virgínia de Aguiar<sup>5</sup>**Resumo**

O objetivo desta pesquisa foi quantificar a variação genética entre procedências e progênes de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* visando aumentar a produtividade de madeira para região noroeste do estado do Paraná, Brasil. O experimento foi estabelecido com sementes provenientes da Guatemala e Honduras no delineamento experimental em blocos completos casualizados, com 61 tratamentos (57 progênes e quatro testemunhas), seis plantas por parcela e nove repetições. O espaçamento entre plantas foi de 3 x 3 m. Foram avaliados os caracteres: altura total (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e o volume cilíndrico (VOL). A análise de *deviance* foi aplicada para determinar o padrão de variação entre e dentro de procedências e progênes. Os componentes de variância e os parâmetros genéticos foram estimados utilizando-se o método REML/BLUP. Foi constatada variação genética significativa entre procedências e progênes para ALT, DAP e VOL. As médias desses caracteres foram 8,81 m, 13,72 cm e 0,09 m<sup>3</sup>.arv<sup>-1</sup>, respectivamente. As estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva individual e genotípica variaram de 5,5 % a 13,8 %, e 2,8 % a 6,9 %, respectivamente, indicando a existência de variabilidade genética. A maior parte dessa variação foi observada. Os coeficientes de herdabilidade individual variaram de 0,06 a 0,51 em DAP e ALT, respectivamente. Os materiais genéticos procedentes da Guatemala apresentaram os maiores valores genéticos. As procedências Lanquin e Las Trincheras, da Guatemala, demonstraram a maior perspectiva de produtividade em madeira para a região de Presidente Castelo Branco, PR.

**Palavras-chave:** espécie exótica, floresta, REML/BLUP, variação genética, ganho genético.

**Abstract**

The aim of this study was to quantify the genetic variances among provenances and progenies of *Pinus caribaea* var. *hondurensis* to increase the wood productivity in northwestern of Paraná State, Brazil. The trial was established with seed from Guatemala and Honduras, in a randomized complete block design (57 progenies and four controls), nine replications and six plants per plot, planted in a 3 x 3 m spacing. The measured traits were: total height (H), diameter at breast height (DBH) and cylindrical stem volume (VOL). These traits were measured five years after planting. Variation pattern and genetic variation among and within provenances and progenies were estimated by using deviance analyses. Variance components and genetic parameters were performed by using REML/BLUP method. Mean ALT, DBH, and VOL were 8.81 m, 13.72 cm, and 0.09 m<sup>3</sup>.tree<sup>-1</sup>, respectively, with significant genetic variation among provenances and progenies. Estimates of individual additive genetic variation ranged from 5.5 % to 13.8% and the genotypic variation among progenies from 2.8 % to 6.9 %, indicating genetic variability. Individual heritability estimates varied from 0.06 to 0.51 in DBH and H, respectively. Genetic variations were high, mostly at family level and were highest among Guatemalan provenances. Provenances Lanquin and Las Trincheras, Guatemala, showed the largest wooden productivity perspective for studied site.

**Keywords:** exotic species, forest, REML/BLUP, genetic variation, genetic parameters.

<sup>1</sup>Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas. UFPA – Universidade Federal de Lavras. Av. Doutor Sylvio Menicucci, 1001 - 37200-000 – Lavras, MG, Brasil. E-mail: [thaisfloresta@gmail.com](mailto:thaisfloresta@gmail.com)

<sup>2</sup>Doutorando em Agronomia. UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho” / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Av. Brasil Centro, 56 – Caixa Postal: 31 - 15.385-000 - Ilha Solteira, SP, Brasil. E-mail: [wanderley.dossantos@hotmail.com](mailto:wanderley.dossantos@hotmail.com)

<sup>3</sup>Graduanda em Engenharia Florestal. UFPR – Universidade Federal do Paraná / Centro de Ciências Florestais e da Madeira. Av. Prefeito Lothário Meissner, 632 - 80210-170 - Curitiba, PR, Brasil. E-mail: [lari.delazari@gmail.com](mailto:lari.delazari@gmail.com)

<sup>4</sup>Graduada em Ciências Biológicas. UNIBRASIL – Faculdades Integradas do Brasil. Rua Konrad Adenauer, 442 – 82821-020 – Curitiba, PR, Brasil. E-mail: [anapaula06alves@gmail.com](mailto:anapaula06alves@gmail.com)

<sup>5</sup>Pesquisador Doutor. Embrapa – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Embrapa Florestas – Estrada da Ribeira, Km111 – 83411-000 – Colombo, PR, Brasil. E-mail: [jyshimizu@gmail.com](mailto:jyshimizu@gmail.com); [valderes.sousa@embrapa.br](mailto:valderes.sousa@embrapa.br); [ananda.aguiar@embrapa.br](mailto:ananda.aguiar@embrapa.br)

## INTRODUÇÃO

O crescente apelo à conservação de recursos naturais e os esforços dedicados à preservação de florestas nativas no Brasil têm impulsionado o crescimento da demanda por produtos madeireiros oriundos de florestas plantadas (FAO, 2014). O suprimento dessa matéria-prima tem sido fundamental para movimentar parques industriais madeireiros de grande importância na economia brasileira. Segundo o relatório da Indústria Brasileira de Árvores (IBÁ, 2014), o Brasil conta com 7,60 milhões de hectares de florestas plantadas dos quais 20,7% são formadas com espécies de *Pinus*. O uso da madeira de *Pinus* é diversificado, atendendo a demanda das indústrias de laminação, madeira serrada, geração de produtos remanufaturados de madeira, produção de chapas, celulose, papel e outros. Além disso, algumas espécies são utilizadas, também, na produção de resina (ASSIS, 1999; SEBBENN et al, 2008). As plantações de *Pinus* no Brasil tiveram início na Região Sul e tem se disseminado nas regiões Sudeste, Centro-oeste, Norte e Nordeste (SILVA JUNIOR, 1993).

*Pinus caribaea* var. *hondurensis* está entre as espécies adaptáveis às condições edafoclimáticas das regiões tropicais brasileiras e apresenta um grande potencial para uso comercial (SEBBENN et al, 2008). Esta variedade é nativa da América Central, cujo habitat inclui locais, desde o nível do mar até 1.000 m de altitude e com precipitações médias anuais variando de 2.000 a 3.000 mm na Nicarágua, El Salvador, Honduras, Belize, Guatemala e leste do México (SEBBENN et al., 2008). A variedade *hondurensis* apresenta rápido crescimento, podendo atingir 45 m de altura, com boa forma de fuste e até 132 cm de diâmetro à altura do peito (DAP). Além disso, a variedade produz resina em quantidades viáveis para exploração comercial, essa variedade é uma das mais utilizadas dentre os pinus tropicais no Brasil (SEBBENN et al., 2008).

A produtividade dos povoamentos de *Pinus* pode ser aumentada, significativamente, com o uso de técnicas apropriadas de preparo do solo, aplicação de insumos nos momentos críticos e a condução dos povoamentos de maneira que as árvores façam o máximo uso dos recursos ambientais como fertilidade e umidade do solo, luminosidade, espaço e ausência de pragas. No entanto, mesmo nessas condições, o seu plantio não pode assegurar produtividade em nível satisfatório se não estiver associado ao uso do material genético apropriado. Isso inclui a escolha de genótipos selecionados/desenvolvidos com base em técnicas de melhoramento genético florestal (MORAES, 2001; RESENDE, 2002; SILVA et al., 2011).

O Brasil dispõe de material genético de *Pinus* com grande potencial de crescimento e, consequentemente, para compor programas de melhoramento genético. Variações significativas têm sido observadas tanto em nível de procedências quanto de progênes nas três variedades de *P. caribaea*, como também em outras espécies de pinus tropicais (ETTORI et al., 2002; SAMPAIO et al., 2000; TAMBARUSSI et al., 2010; ZHENG et al., 1994). Investimentos na exploração do potencial genético, principalmente mediante seleção e cruzamentos controlados entre e dentro de espécies, podem assegurar êxito no estabelecimento e exploração comercial de pinus tropicais no Brasil.

O objetivo deste trabalho foi: a) estimar parâmetros genéticos e estatísticos em teste de procedências e progênes de *P. caribaea* var. *hondurensis*; b) identificar as procedências, progênes e indivíduos de maior produtividade em madeira nas condições ecológicas da região noroeste do estado do Paraná; c) estimar ganhos genéticos esperados com a seleção.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado em maio de 1995, no município de Presidente Castelo Branco, PR, utilizando sementes de progênes de polinização aberta, oriundas de Honduras (procedências El Marañon e Los Limones) e Guatemala (procedências Lanquin, Las Trincheras e El Venado) (Tabela 1). Para comparação, foram incluídas testemunhas constituídas de sementes comerciais coletadas na região de Agudos, SP. O solo foi classificado como Latossolo Vermelho Escuro com textura média nos horizontes A e B. A área experimental se localiza na latitude 23° 17' S, longitude 52° 07' W, e altitude de 560 m. O clima é do tipo Cfb, segundo o sistema de classificação de Köppen, com temperatura média anual de 22,8 °C, precipitação média anual de 1.562,2 mm e ocorrência de duas geadas anuais em média (SOUSA et al., 2011).

**Tabela 1.** Características dos locais de coleta de sementes e número de matrizes de *P. caribaea* var. *hondurensis* amostradas nas regiões de Honduras e Guatemala.

**Table 1.** Characteristics of seed collection sites and number of progenies *P. caribaea* var. *hondurensis* sampled from Honduras and Guatemala.

Estado, País	Nº de Progênie	Latitude / Longitude
1- Maraion, Honduras	15	15°22"N/88°00"W
2- Los Limones, Honduras	3	13°03"N/86°42"W
3- El Venado, Honduras	15	15°16"N/88°04"W
4- Lanquin, Guatemala	12	15°33"N/89°58"W
5- Las Trincheras, Guatemala	12	15°27"N/89°03"W
6- Testemunhas	4	-

O delineamento utilizado foi o de blocos completos casualizados, com nove repetições, e com as procedências dispostas em grupos de parcelas lineares de seis plantas para cada progênie. O espaçamento de 3 x 3 m foi utilizado entre plantas. Aos cinco anos após o plantio, foi medida a circunferência à altura do peito (CAP) e a altura total (ALT). Com base nesses dados, foram calculados o DAP (diâmetro à altura do peito) e o VOL (volume cilíndrico).

### Análise de deviance

Inicialmente, foi realizada uma análise conjunta, considerando todos os tratamentos, inclusive as testemunhas. Na segunda fase, foram realizadas análises de progênie dentro de cada procedência para estimar os valores genéticos. Foi aplicada a análise de deviance para determinar a variação genética entre procedências e progênie. Na análise conjunta, foi utilizado o modelo estatístico (RESENDE, 2007):

$$y = \mathbf{Xr} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{Ts} + e;$$

em que  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (considerados fixos) somados à média geral,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (considerados aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela (considerados aleatórios),  $s$  é o vetor dos efeitos da população ou procedência (considerados aleatórios) e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (considerados aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Na análise individual, foi utilizado o modelo estatístico (RESENDE, 2007):

$$y = \mathbf{Xr} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + e$$

em que  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (considerados fixos) somados à média geral,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (considerados aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela,  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (considerados aleatórios) e as letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos foram estimados usando-se o método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) a partir de dados desbalanceados, com o auxílio do software genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007). Foi adotado o pressuposto de que as progênie são originadas de polinização aberta.

### Seleção de genótipos superiores

Para estimar o ganho genético com a seleção (Gs) foram propostas três intensidades de seleção com base no valor genético predito do VOL. As propostas foram pela seleção de 200, 150 e 100 indivíduos de maior valor genético para VOL. O ganho genético foi estimado com a equação:  $G_s (\%) = (\text{Média dos valores genéticos aditivos dos indivíduos selecionados}) \times 100 / \hat{m}$ , em que  $\hat{m}$  corresponde à média geral do experimento. O ganho esperado com a seleção de procedências pelo volume foi estimado em função dos indivíduos selecionados no ranking individual.

Foram realizadas simulações para estimar o tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) e o índice de diversidade genética ( $\hat{D}$ ), em função da intensidade de seleção aplicada. O  $N_e$  foi estimado por meio da expressão  $N_e = (4 \cdot N_f \cdot \bar{k}_f) / [\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{\bar{k}_f}^2 / \bar{k}_f)]$  (RESENDE, 2002) em que  $N_f$  = número de progênie selecionadas;  $\bar{k}_f$  = número médio de indivíduos selecionados por progênie;  $\sigma_{\bar{k}_f}^2$  = estimativa da variância do número de indivíduos selecionados por progênie. A diversidade genética ( $\hat{D}$ ) foi

estimada com a expressão  $\hat{D} = N_{ef}/N_{fo}$  (RESENDE, 2002) em que  $0 < D \leq 1$ ;  $N_{fo}$  = número original de progênies;  $N_{ef}$  = número efetivo de progênies selecionadas, em que  $N_{ef} = (\sum k_f)^2 / \sum k_f^2$ .

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Análises conjuntas

Cinco anos após o plantio, a sobrevivência no teste foi de 77,8%, tendo restado 2.400 indivíduos. Foram observadas variações significativas entre procedências, bem como entre e dentro de progênies em todas as variáveis avaliadas (Tabela 2). Isso demonstra que existem variações fenotípicas significativas em vários níveis, indicando que diferentes estratégias de seleção podem ser aplicadas para o seu melhoramento genético.

**Tabela 2.** Estimativas de parâmetros genéticos e análise de deviance para caracteres silviculturais de *P. caribaea* var. *hondurensis* procedências aos cinco anos de idade em Presidente Castelo Branco, PR.

**Table 2.** Estimates of genetic parameters and deviance analysis silvicultural traits of *P. caribaea* var. *hondurensis* provenances to five years of age in Presidente Castelo Branco, PR.

Parâmetros Genéticos	Altura (m)	DAP (cm)	Volume (m <sup>3</sup> .árv <sup>-1</sup> )
$\hat{h}_a^2$	0,23 (± 0,05)	0,06 (± 0,02)	0,08 (± 0,03)
$\hat{c}_c^2$	0,03	0,02	0,02
$\hat{c}_p^2$	0,12	0,03	0,06
$CV_{gi}^p$ (%)	8,70	5,50	13,8
$CV_{gp}$ (%)	4,40	2,80	6,90
$CV_e$ (%)	7,30	9,0	19,80
$\hat{m}$	8,81	13,72	0,09
LRT Procedências ( $\chi^2$ )	39,54 **	15,48 **	34,26 **
LRT Progênies ( $\chi^2$ )	54,12 **	7,74 **	11,67 **
LRT Parcelas ( $\chi^2$ )	5,24 *	1,77 <sup>ns</sup>	1,98 <sup>ns</sup>

( $\hat{h}_a^2$ ) herdabilidade individual no sentido restrito; ( $\hat{c}_c^2$ ) coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; ( $\hat{c}_p^2$ ) coeficiente de determinação dos efeitos de procedências; ( $CV_{gi}^p$ ) coeficiente de variação genética aditiva individual; ( $CV_{gp}$ ) genotípica entre progênies, ( $CV_e$ ) coeficiente de variação residual; ( $\hat{m}$ ) média geral do experimento, LRT: Teste da razão de verossimilhança, \*\*P < 0,01; \*P < 0,05; ns não significativo pelo teste de qui-quadrado ( $\chi^2$ ).

As médias gerais no teste foram de 8,81 m em ALT, 13,72 cm em DAP e 0,09 m<sup>3</sup>.árv<sup>-1</sup> em VOL (Tabela 2). Os coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ) foram da ordem de 7,3% e 19,8% em ALT e VOL, respectivamente, indicando boa precisão experimental. Os coeficientes de determinação dos efeitos de parcela foram, em geral, baixos (0,03 em ALT e 0,02 nas demais variáveis), indicando que não houve efeito de parcelas no desempenho das progênies. Os coeficientes de determinação dos efeitos de procedência foram da ordem de 0,12 em ALT, 0,03 em DAP e 0,06 em VOL. Portanto, grande parte da variação observada entre procedências foi devida aos efeitos ambientais, com mínima contribuição do componente genético. Os coeficientes de variação genética aditiva individual foram da ordem de 5,5% em DAP e 13,8% em VOL, sugerindo que seleções individuais pelo volume podem proporcionar ganhos genético. O coeficiente de variação genotípica entre progênies foi de 4,4% em ALT e 6,9% em VOL. (Tabela 2).

A estimativa do coeficiente de variação genética em todas as variáveis entre procedências foi baixa. Portanto, apesar da variação fenotípica observada, a seleção entre procedências deve produzir pouco efeito nas gerações futuras. As estimativas de herdabilidade individual foram, em geral baixas (0,06 e 0,23 para DAP e ALT, respectivamente). Portanto, a expectativa de ganhos genéticos mediante seleção de matrizes pelo DAP tende a ser menor que pela ALT nessa população. De maneira geral, as estimativas de herdabilidade foram baixas e pouco progresso pode ser esperado com seleção massal. Situação semelhante foi constatada em *Pinus caribaea* var. *caribaea* (SILVA et al., 2011).

### Análises individuais

Diferentes níveis de sobrevivência foram observados entre as procedências testadas. A procedência Lanquin (Guatemala) apresentou a maior sobrevivência (83,3%), enquanto que Los Limones

(Honduras) a menor (71,0%). As demais procedências não diferiram muito desta, variando de 75,8% (El Venado, Honduras) a 77,6% (Marañon, Honduras). O desempenho das testemunhas foi semelhante à média das progênies testadas.

**Tabela 3.** Estimativas de parâmetros genéticos de caracteres silviculturais em *P.caribaea* var. *hondurensis* aos cinco anos em Presidente Castelo Branco, PR.  
**Table 3.** Estimates of genetic parameters of silvicultural traits in *P.caribaea* var. *hondurensis* at five years in Presidente Castelo Branco, PR.

Parâmetros Genéticos	Marañon Honduras			Los Limones Honduras			El Venado Honduras			Lanquin Guatemala			Las Trincheras Guatemala		
	Alt (m)	DAP (cm)	Volume (m <sup>3</sup> .arv <sup>-1</sup> )	Alt (m)	DAP (cm)	Volume (m <sup>3</sup> .arv <sup>-1</sup> )	Alt (m)	DAP (cm)	Volume (m <sup>3</sup> .arv <sup>-1</sup> )	Alt (m)	DAP (cm)	Volume (m <sup>3</sup> .arv <sup>-1</sup> )	Alt (m)	DAP (cm)	Volume (m <sup>3</sup> .arv <sup>-1</sup> )
$\hat{h}_a^2$	0,25 (0,11)	0,01 (0,02)	0,08 (0,06)	0,00 (0,01)	0,00 (0,01)	0,00 (0,01)	0,07 (0,06)	0,10 (0,07)	0,05 (0,05)	0,43 (0,16)	0,10 (0,08)	0,13 (0,08)	0,39 (0,15)	0,05 (0,05)	0,10 (0,07)
$\hat{c}_p^2$	0,02	0,01	0,01	0,00	0,01	0,00	0,08	0,04	0,06	0,01	0,00	0,00	0,00	0,02	0,03
$\hat{h}_m^2$	0,77	0,18	0,52	0,02	0,01	0,02	0,43	0,55	0,38	0,86	0,60	0,65	0,85	0,40	0,55
$\hat{h}_{ad}^2$	0,01	0,20	0,06	0,02	0,02	0,02	0,08	0,06	0,04	0,08	0,37	0,10	0,04	0,32	0,07
$r_{aa}$	0,88	0,43	0,72	0,12	0,08	0,08	0,66	0,74	0,62	0,93	0,77	0,80	0,92	0,63	0,74
$CV_{gi}$	9,2	2,7	13,2	0,5	0,5	1,0	5,3	7,7	12,4	10,4	6,9	16,2	9,5	4,4	13,6
$CV_{gp}$	4,6	1,4	6,6	0,3	0,2	0,5	2,7	3,8	6,2	5,2	3,5	8,1	4,8	2,2	6,8
$CV_e$	7,62	8,53	19,14	6,96	9,11	20,48	9,14	10,47	23,56	6,23	8,51	17,99	6,00	8,10	18,55
$CV_r$	0,61	0,16	0,35	0,04	0,03	0,03	0,29	0,37	0,26	0,83	0,41	0,45	0,80	0,27	0,37
$\hat{m}$	8,64	13,54	0,08	8,73	13,23	0,08	7,97	13,26	0,07	9,29	14,41	0,10	9,39	14,08	0,09
LRT prog ( $\chi^2$ )	14,37**	0,23	2,99	0,00	0,00	0,00	1,70	3,40	1,18	27,14**	5,26*	6,93**	24,38**	1,05	2,71

LRT: Teste da razão de verossimilhança, \*\* significativo a 1% 6,63; \*significativo a 5%, com 1 grau de liberdade 3,84; ns não significativo,  $\hat{h}_a^2$  herdabilidade individual;  $\hat{c}_p^2$  coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas;  $\hat{h}_d^2$  herdabilidade dentro de progênies;  $\hat{h}_m^2$  herdabilidade da média de progênies  $\hat{r}_{aa}$  acurácia;  $CV_{gi}$  coeficiente de variação genética aditiva individual;  $CV_{gp}$  coeficiente de variação genotípica entre progênies;  $CV_e$  coeficiente de variação experimental;  $CV_r$  coeficiente de variação relativa;  $\hat{m}$  média geral.

A razão de verossimilhança (LRT) foi significativa entre e dentro de progênies na maioria das procedências (Tabelas 3). Não foram observadas variações significativas entre as progênies de Los Limones. A baixa variação fenotípica observada nessa população pode ser explicada pelo pequeno número de progênies (três) comparadas. As duas procedências da Guatemala apresentaram os maiores volumes, as maiores variabilidades genéticas entre progênies e as maiores estimativas de ganhos genéticos mediante seleção (Tabela 4). Conseqüentemente, a expectativa de ganhos genéticos em VOL, mediante a seleção nessas procedências tenderá a ser maior do que nas demais (Tabelas 4). Assim, especificamente para a região de Presidente Castelo Branco, sugere-se a formação de pomares de sementes com um maior número de indivíduos das progênies com maior desempenho dessas procedências.

**Tabela 4.** Ganho esperado na seleção de procedências para diâmetro a altura do peito cinco anos após o plantio de cinco procedências de *P.caribaea* var. *hondurensis* em Presidente Castelo Branco, PR.

**Table 4.** Gain expected in selecting provenances for diameter at breast height five years after planting five provenances of *P.caribaea* var. *hondurensis* in Presidente Castelo Branco, PR.

Procedências	Ganho esperado na seleção (%)	Nova média (cm)
Lanquin, Guatemala	4,48	14,32
Lá trincheiras, Guatemala	3,55	14,2
Maranon, Honduras	2	13,98
Los limones, Honduras	0,8	13,82
El Venado, Honduras	0	13,7

A magnitude das estimativas da variação genética aditiva individual sugere a existência de variabilidade substancial em ALT e VOL nas procedências Marañon e El Venado (Honduras), bem como em Lanquin e Las Trincheras (Guatemala). Para DAP, no entanto, foi constatada baixa variação genética individual e entre progênies em todas as procedências (Tabela 3).

A variabilidade genética de uma população constitui-se na matéria-prima básica do melhoramento (SEBBENN et al., 1994). Os coeficientes de variação genética individual variaram de 0,5% (DAP, Los Limones Honduras) a 13,6% (VOL, Las Trincheras Guatemala) e variação genética entre as progênies variaram entre de 0,2% (DAP, Los Limones Honduras) a 8,1% (VOL, Lanquin Guatemala) (Tabela 3). Estes valores indicam possibilidade de maximizar ganhos genéticos e reter a variabilidade genética em um programa de melhoramento para ciclos subsequentes. A seleção em nível de indivíduos deve ser priorizada por apresentar maiores valores.

Neste estudo, o coeficiente de variação relativa ( $CV_r$ ) variou de baixo a alto para todos os caracteres entre as procedências. A maior variação relativa foi para a altura para a procedência Lanquin, Guatemala e o menor foi para o caráter DAP da procedência de Los Limones, oriunda de Honduras. Quanto mais alto o valor desse parâmetro maior o controle genético dos caracteres e menor influência dos fatores ambientais no fenótipo, e conseqüentemente o processo de seleção terá mais eficiência (VENCOVSKY, BARRIGA, 1992; SEBBENN et al., 2009).

O coeficiente de variação experimental ( $CV_e$ ) e o coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas ( $\hat{C}_p^2$ ) apresentaram valores baixos, ou seja, ocorre baixa variação ambiental entre parcelas para os caracteres altura e DAP para todas as procedências. Resende (2002) expressa que uma estimativa até 10% do  $\hat{C}_p^2$  não chega a inferir na estimativa dos parâmetros genéticos. A acurácia das estimativas em nível de procedências apresentaram valores variando de altos a baixos, resultados que, segundo a classificação proposta por Resende (2002), ( $25\% < \hat{r}_{aa} < 75\%$ ), ( $75\% \leq \hat{r}_{aa} \leq 100\%$ ), atesta a precisão e o controle das causas de variação ambiental. Quanto maior a magnitude da acurácia (mais próxima de 100%) pode-se inferir que melhor é a qualidade do experimento e, portanto, maior a confiabilidade nas informações experimentais (RAMALHO et al., 2012). Tal resultado permite estimar ganhos genético para os caracteres estudados, devido às condições favoráveis para a seleção de progênies.

A herdabilidade no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ) obtida no caráter DAP para todas as procedências é considerada baixa, e alta para o caráter ALT. A herdabilidade pode ser considerada como de baixa magnitude quando  $\hat{h}_a^2 < 0,15$ , média magnitude entre  $0,15 < \hat{h}_a^2 < 0,50$  e alta magnitude com  $\hat{h}_a^2 > 0,50$  (RESENDE, 2002). Os valores obtidos indicam que o controle genético é alto para o caráter ALT e, portanto, a seleção praticada em nível de progênies possibilitará ganhos no caráter. Valores dos coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais em outros estudos encontrados para *P. caribaea* var. *hondurensis* para o caráter DAP são relatados por outros autores: 0,20, aos cinco anos após o plantio (SAMPAIO et al., 2002); 0,48, aos oito anos após o plantio (COTTERRILLI; DEAN, 1990); 0,28 (um ano após o desbaste), aos 14 anos após o plantio (MORAES, 2001). E para o caráter altura: 0,36, aos dois anos após o plantio (KAGEYAMA, 1983); 0,29, aos oito anos após o plantio (COTTERRILLI; DEAN, 1990); 0,44 (um ano após o desbaste), aos 14 anos após o plantio (MORAES, 2001).

Os coeficientes de herdabilidade em nível de planta individual dentro de parcela ( $\hat{h}_{ad}^2$ ) e herdabilidade ao nível de média de progênies ( $\hat{h}_m^2$ ) variaram de baixa a alta para os caracteres de todas as procedências. A herdabilidade além de expressar a proporção das características dos indivíduos que serão transmitidos de uma geração para outra é também um parâmetro que associado ao estudo do diferencial de seleção poderá determinar a estratégia de seleção a ser aplicada, podendo ser em nível de indivíduo, com base na média das progênies ou dentro das progênies. Segundo Ramalho et al. (2012), a herdabilidade pode ser conceituada como a proporção da variação genética presente na variância fenotípica total. Portanto, estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo e, por essa razão, a  $\hat{h}_a^2$ ,  $\hat{h}_{ad}^2$  e  $\hat{h}_m^2$  participa quase sempre das expressões relacionadas com a predição de ganho dos diferentes métodos de melhoramento e, como consequência, das decisões que os melhoristas tomam na condução de seus programas de seleção.

### Seleção de genótipos superiores

Após constatar a variação genética entre e dentro de progênies para os caracteres estudados, indivíduos foram selecionados para a recombinação em de pomares de sementes levando em con-

sideração a maximização do ganho genético. O ganho genético esperado com a seleção aplicando uma intensidade de 8,3%, com os 200 indivíduos de maiores valores genéticos em volume foi considerável (13,0%) (Tabela 5). Verifica-se que com ao aumento da intensidade de seleção o ganho esperado aumenta, porém ocorre uma redução do tamanho efetivo. Esse resultado deve-se principalmente, ao fato dos indivíduos de poucas progênies terem apresentados valores bastante superiores aos das demais progênies. O número efetivo mínimo de 30 matrizes é recomendado para instalação do PSM (RAWLINGS, 1970; PEREIRA; VENCOSKY, 1988). Resende (1999) relata a importância de se iniciar um programa de melhoramento com uma população-base representada por um número elevado de progênies, a fim de permitir alta intensidade de seleção já nas primeiras gerações e, simultaneamente, manter o tamanho efetivo compatível com o melhoramento no longo prazo. O  $N_e$  indicado como teto seletivo está entre 30 a 60 (LEONARDECZ-NETO et al., 2003). Nos programas de melhoramento genético o objetivo é sempre aumentar a produção média nas populações alvos, mantendo a variação genética suficiente para ganhos genéticos contínuos ao longo do ciclo reprodutivo.

**Tabela 5.** Ganho esperado na seleção individual para volume aos cinco anos após o plantio de cinco procedências de *P. caribaea* var. *hondurensis* em Presidente Castelo Branco, PR.

**Table 5.** Gain expected in the individual selection for volume at five years old for *P. caribaea* var. *hondurensis* provenances in Presidente Castelo Branco, PR.

N	Gs%	M	Nf	Kf	Ne	$\hat{D}$
200	13,0	0,14	13	15,38	27,28	0,14
150	13,7	0,15	13	11,53	20,68	0,11
100	13,8	0,15	11	9,09	15,15	0,08

Ganho esperado na seleção (Gs%), média da população selecionada (M), número de progênies selecionadas (Nf), número médio de árvores selecionadas por progênie (Kf) e tamanho efetivo da população (Ne) em função do número de árvores selecionadas (N).

A clonagem dos indivíduos de maior volume em madeira levará a ganhos mais expressivos, visto que na seleção é considerado o valor genético total (genotípico) e não somente pelo valor genético aditivo. Nesse caso, maiores intensidades de seleção poderão ser adotadas.

O tamanho efetivo ( $N_e$ ) obtido para compor o pomar de sementes clonal selecionando 100 indivíduos foi de 15,15. Para essa finalidade o tamanho efetivo está adequado visto que a produção de sementes com qualidade genética será utilizada para compor os plantios comerciais. Para continuidade do programa de melhoramento, Resende e Bertolucci (1995) e Resende (1999), sugeriram a manutenção de  $N_e$  em torno de 50, em cada ciclo de seleção. Assim, com base nas estimativas do tamanho efetivo, outras estratégias e métodos de seleção, deverão ser adotadas para manter variabilidade genética suficiente no pomar de sementes por mudas por várias gerações de seleção (AGUIAR et al., 2011). Assim como nos resultados obtidos em *Pinus caribaea* var. *bahamensis* por Pires et al (2013), a estratégia de seleção entre e dentro de progênies poderá resultar em ganhos genéticos e tamanho efetivo médios, o que contribuirá para manutenção de variabilidade genética.

## CONCLUSÕES

Existe variação genética entre procedências e progênies para os caracteres de crescimento (DAP, ALT e VOL).

As procedências Lanquin e Las Trincheras, da Guatemala são as mais recomendadas para plantios comerciais na região de Presidente Castelo Branco, PR por oferecerem a maior perspectiva de produtividade em madeira.

A seleção em nível individual e entre progênies é recomendada em função maior parte de a variabilidade ter sido encontrada em nível individual e de progênies para os caracteres avaliados.

A seleção individual de matrizes propiciou estimativas expressivas de ganho genético para volume em torno de 13,0%, a 13,8%.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A.; SHIMIZU, J. Y. Sistema de Produção: espécies mais plantadas no Brasil: *Pinus tecunumanii*. In: **Sistema de produção: Cultivo do Pinus**. Colombo: Embrapa Florestal, 2011.

ASSIS, T. F. Aspectos do melhoramento de *Eucalyptus* para a obtenção de produtos sólidos da madeira. In: WORKSHOP TÉCNICAS DE ABATE, PROCESSAMENTO E UTILIZAÇÃO DA MADEIRA DE EUCALIPTO. Viçosa, 1999. **Anais...** Viçosa: UFV, 1999. p.61-72.

COTTERILLI, P. P.; DEAN, C. A. **Successful tree breeding with index selection**. Melbourne: CSIRO, 1990. 80 p.

ETTORI, L. C.; SEBBENN, A. M.; SA TO, A. S.; MORAIS, E. Teste de procedências de *Pinus oocarpa* Schiede em três locais do Estado de São Paulo. **Revista Instituto Florestal**, v.14, n. 1, p. 39-51, 2002.

FAO – FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Planted forests in sustainable forest management: a statement of principles–2010**. 2009. Disponível em: < [www.fao.org.br/forestry/plantedforests](http://www.fao.org.br/forestry/plantedforests) >. Acesso em: 03 fev. 2014.

IBÁ - INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Anuário estatístico, 2014 ano base 2013**. Disponível em: < [http://www.iba.org/shared/iba\\_2014\\_pt.pdf](http://www.iba.org/shared/iba_2014_pt.pdf) >. Acesso em: 07 jun. 2015.

KAGEYAMA, P. Y. **Seleção precoce a diferentes idades em progênes de *Eucalyptus grandis* (Hill). Ex Maiden**. 1983. 151 p. Tese (Livre-Docência) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1983.

LEONARDECZ-NETO, E.; VENCOVSKY, R.; SEBBENN, A. M. Ajuste para a competição entre plantas em teste de progênes e procedências de essências florestais. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 63, p. 136-149, 2003.

MORAES, M. L. T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênes de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barret e Golfari**. 2001. 124 p. Tese (Livre Docência) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2001.

PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente. I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 7, 769-780, 1988.

PIRES, V. C. M.; MARTINS, K.; VILAS BÔAS, O.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Variabilidade genética de caracteres silviculturais em progênes de polinização aberta de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 41, n. 97, p. 113-119, 2013.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 522 p.

RAWLINGS, J. O. Present status of research on long- and short-term recurrent selection on finite populations. Choice of population size. In: MEETING OF THE WORKING GROUP ON QUANTITATIVE GENETICS. 2., 1970, New Orleans. **Proceedings...** New Orleans: USDA-SFES, New Orleans, 1970. p. 1-15.

RESENDE, M. D. V. Selegen-Reml/Blup: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos. Colombo: **Embrapa Florestas**, 2007. 360 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p. RESENDE, M. D. V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. 817 p.

RESENDE, M. D. V.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE. *Eucalyptus* plantations: improving fibre yield and quality. 1995, Hobart. **Proceedings...** Hobart: 1995. p.167-170.



SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, DF, v. 37, n. 5, p. 625-636, 2002.

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n. 11, p.2243-2253, 2000.

SEBBENN, A.M.; FREITAS, M.L.M.; ZANATTO, M.C.S.; MORAIS,E.; MORAES, M. A. Comportamento da variação genética entre e dentro de procedências e progênes de *Galesia integrifolia* Vell. Moq. para caracteres quantitativos. **Revista do Instituto Florestal**, v. 21, n.2, p.151-63, 2009.

SEBBENN, A. M.; PIRES, C. L. S.; CUSTÓDIO FILHO, A.; ROSA, P. R. F. Variação genética em progênes de meios-irmãos de *Pinus caribaea* Mor.var. *bahamensis* Bar.et Gol. na região de Bebedouro, SP. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 6, n. 1, p. 63- 73, 1994.

SEBBEN, A.; AGUIAR, A. V.; OLIVEIRA; IEDE, E. T.; SHIMIZU, J.Y.; RIBASKI, J.; TUOTO, M.; CALDATO, N.; DEDECEK, R. A.; PENTEADO, S. R. C.; HOEFLICH, V. A.; MAGALHÃES, W. L. E.; REIS FILHO, W. **Pínus na Silvicultura Brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. 223 p.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Variação genética e ganho esperado na seleção de progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria-MS. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 39, n.90, p. 241-252, 2011.

SILVA JUNIOR, F. G. Utilização múltipla da madeira de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* para produção de celulose Kraft. **Série Técnica do IPEF**. Piracicaba, SP. v. 9. n. 27. 1993.

SOUSA, V. A.; ALVES, A. P. O.; AGUIAR, A. V.; SHIMIZU, J. Y. Desempenho e variação genética em progênes de *Pinus tecunumanii* procedentes da Nicarágua. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., 2011, Búzios. **Anais...** Búzios: SBMP, 2011.

TAMBARUSSI, E. V.; SEBBEN, A. M.; MORAES, M. L. T.; ZIMBACK, L.; PALOMINO, E. C.; MORI, E. S. Estimative of genetic parameters in progeny test of *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barret e amp; Golfari by quantitative traits and microsatellite markers. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 1, p. 39-47, 2010.

VENCOVSKY, R; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

ZHENG, Y.; ENNOS, R.; WANG, H. Provenance variation and genetic parameters in a trial of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* Barr. and Golf. **Forest Genetics**, Zvolen, v. 1, n. 3, p. 167-174, 1994.

Recebido em 05/05/2016

Aceito para publicação em 11/10/2016